

2016年11月11日作成

RIMS 研究集会 第13回「生物数学の理論とその応用」 -連続および離散モデルのモデリングと解析-

日程 2016年11月14日(月)～11月17日(木)
会場 京都大学数理解析研究所 420号室
研究代表者 大崎 浩一(関西学院大学理工学部, 関西学院大学数理科学研究センター)
後援 日本数理生物学会

プログラム

11月14日(月)

12:55～13:00 開会の挨拶

一般講演

13:00～13:20 島谷 健一郎(統計数理研究所)

繁殖行動の同調モデルとパラメータのAKB推定

13:20～13:40 加藤 将、守田 智(静岡大学)

セル内セル間相互作用を考慮した協力の進化ゲーム

13:40～14:00 道工 勇(埼玉大学・教育学部・数学教室)

超過程の生存性とモデルへの応用

14:00～14:20 秋山 正和、須志田 隆道(北海道大学電子科学研究所)

細胞極性と細胞移動の数理モデル

14:20～14:30 休憩

14:30～14:50 高瀬 光雄(LINFOPS 有限会社)

切れた尻尾の再生モデルにおける、ホメオチック遺伝子整合性からの改良、癌の発生および免疫システムによる検知について

14:50～15:10 岡本 尚大*、橋本 貴法**、松島 正知*** (同志社大学大学院生命医科学研究科*，同志社大学生命医科学部卒業**，同志社大学生命医科学部***)

血流モデルの構築に向けた粒子法シミュレーション

15:10～15:30 河野 良介*、松島 正知** (同志社大学大学院生命医科学研究科*，同志社大学生命医科学部**)

光ネットワーク回路で起こる同期現象の解析

15:30～15:40 休憩

15:40～16:00 鹿山 大輔(静岡大学総合科学技術研究科工学専攻数理システム工学コース)

高い出生率をもつ集団における侵入速度の過大評価の改善

16:00～16:20 佐藤 一憲(静岡大学工学部数理システム工学科)

湖沼生態系のパッチモデル

16:20～16:40 今 隆助(宮崎大学・工学教育研究部)

1回繁殖型 Leslie 行列モデルにおける2分律

11月15日(火)

一般講演

- 09:10～09:30 大場拓慈、木上淳(京都大学情報学研究科)
侵入者は乗っ取りに成功する?
- 09:30～09:50 岡本 篤、梶原 毅(岡山大学大学院環境生命科学研究科)
感染症年齢構造モデルの大域安定性
- 09:50～10:10 武村 峻平、梶原 毅(岡山大学大学院環境生命科)
対称でないレプリケータ方程式の解析
- 10:10～10:30 熊谷 優佑、梶原 毅(岡山大学環境生命科学研究科)
2栄養におけるケモスタットの数理競争解析
- 10:30～10:40 休憩
- 10:40～11:00 梶原 毅(岡山大学環境生命科学研究科)
複数株免疫年齢構造モデルの大域安定性
- 11:00～11:20 齋藤 凉平、稲葉 寿(東京大学大学院数理科学研究科)
人口転換に関する年齢構造化個体群モデルの数理解析
- 11:20～11:40 應谷 洋二(岡山大学大学院環境生命科学研究科)
無限遅れを持つSEIR複数グループモデルの大域安定性
- 11:40～12:00 國谷 紀良(神戸大学大学院システム情報学研究科)
拡散項と空間依存係数を持つ感染症モデルの大域的漸近安定性
- 12:00～13:00 昼食・休憩
- 13:00～13:20 伊藤 悠介(九州大学システム生命科学府)
HIV-1感染における重感染の定量的解析
- 13:20～13:40 柿添 友輔(九州大学大学院システム生命科学府)
HIV-1侵入機構の定量化
- 13:40～14:00 水本 憲治(北海道大学大学院医学系研究科)
インフルエンザウイルスの感染時致命確率の推定
- 14:00～14:20 西浦 博(北海道大学大学院医学研究科)
2つの方法を利用した風疹ワクチン接種の優先的接種のモデル化
- 14:20～14:30 休憩

ミニシンポジウム「えこえびモデルの展開」
オーガナイザー：岩見 真吾(九州大学理学研究院)

- 14:30～14:40 はじめに
- 14:40～15:00 布野 孝明(九州大学システム生命科学科)
マラリア流行と降雨
- 15:00～15:30 ユスップ マルコ(北海道大学電子科学研究所)
空間疫学におけるパターン形成及びパターン遷移
- 15:30～15:40 休憩
- 15:40～16:10 立木 佑弥(京都大学ウイルス研究所,九州大学大学院理学研究院)
免疫記憶が駆動するインフルエンザ進化モデル
- 16:10～16:40 宮崎 悠矢(株式会社クラスティウム)
生態系のゲームによるシミュレーションとその応用可能性

11月16日(水)

一般講演

- 09:30～09:50 久留主 達也 (九州大学理学部生物学科 数理生物学研究室)
B型肝炎ウイルスの細胞内侵入に関する数理モデリング
- 09:50～10:10 岩波 翔也 (九州大学大学院システム生命科学府)
骨髄球バイパスを含む造血システムの数理モデル
- 10:10～10:30 北川 耕咲 (九州大学数理生物学研究室)
HCV感染のマルチスケールモデルのODE化
- 10:30～10:40 休憩
- 10:40～11:00 黒川 瞬 (中国科学院動物研究所)
頑固さの進化
- 11:00～11:20 水上 雅昭 (東京理科大学大学院 理学研究科)
Global existence and asymptotic stability in a two-species chemotaxis-competition system
- 11:20～11:40 中桐 斉之*、荻野 周平*、向坂 幸雄**(兵庫県立大学環境人間*, 中村学園短大幼児保育**)
納豆菌コロニーのパターン形成：環境条件による影響
- 11:40～12:50 昼食・休憩
- 12:50～13:10 辻川 亨 (宮崎大学工学教育研究部)
大腸菌パターンにおける伝搬パルス
- 13:10～13:30 堀部 和也 (大阪大学 情報科学研究科)
曲面が引き起こす進行波の分裂
- 13:30～13:40 休憩

ミニシンポジウム「昆虫の生物数学に向けて -シロアリ, ミツバチ, ショウジョウバエ-」
オーガナイザー：鳴海 孝之 (九州産業大学工学部)

- 13:40～13:45 はじめに
- 13:45～14:25 遠藤 啓太 (理化学研究所・脳科学総合研究センター)
ショウジョウバエのキノコ体における匂い情報のスパースコーディング
- 14:25～15:05 山中 治 (広島大学大学院理学研究科)
RFIDチップを用いたアリの分業ダイナミクスの定量的解析
- 15:05～15:15 休憩
- 15:15～15:50 鳴海 孝之 (九州産業大学工学部)
ミツバチの造巣初期過程に対するエージェントモデル
- 15:50～16:00 休憩

特別講演

- 16:00～16:50 本多 久夫 (神戸大学大学院医学研究科)
形態形成を遺伝子で説明するには数理モデルが必須である

11月17日(木)

一般講演

09:40 ~ 10:00 小田切 健太 (専修大学ネットワーク情報学部)

不均一環境下における走化性粒子集団のダイナミクス

10:00 ~ 10:20 金澤 洋隆 (京都府立医科大学医学部医学科)

尿細管の形態における数学的構造に対する幾つかの考察

10:20 ~ 10:40 内田 就也 (東北大学理学部物理学科)

固液界面上でのバクテリアの集団運動

10:40 ~ 10:50 休憩

10:50 ~ 11:10 昌子 浩登 (京都府立医科大学医学研究科)

肝疾患における形態変化の解析

11:10 ~ 11:30 Martyushev Alexey (九州大学数理生物学研究室)

Mathematical modeling of infectious diseases

11:30 ~ 11:50 齋藤 保久 (島根大学大学院総合理工学研究科)

間接効果を考慮した predator-prey 系の大域的漸近安定性とリミットサイクルについて

11:50 ~ 12:00 閉会の挨拶